



Universidad Nacional Mayor de San Marcos

Universidad del Perú. Decana de América

Facultad de Ciencias Biológicas

Unidad de Posgrado

**Transcriptoma de la respuesta a la sequía en *Solanum
tuberosum subsp. andigena***

TESIS

Para optar el Grado Académico de Magíster en Biología
Molecular

AUTOR

Yerisf Carla TORRES ASCURRA

ASESOR

Giovanna SOTIL

Lima, Perú

2014

RESUMEN

El reciente desarrollo del RNA-Seq, un método de secuenciamiento masivo en paralelo para el análisis de transcriptomas permite conocer el perfil de expresión de las plantas en respuesta a estrés de tipo abiótico y biótico. En este estudio, se secuenció el mRNA proveniente de hojas y raíces de dos variedades de *Solanum tuberosum* subsp. andigena, una tolerante y otra susceptible, expuestas a diferentes niveles de sequía. Lecturas de 50 pares de bases provenientes de mRNA, se mapearon al genoma de papa: entre el 75 - 82% mapearon a posiciones únicas, 6 - 14% mapearon a múltiples posiciones y 9 - 12% no mapearon a posición alguna del genoma. Comparando los perfiles de expresión, se encontraron entre 887 a 1925 genes inducidos/reprimidos por sequía en la variedad susceptible y 998- 1995 en la tolerante. Se anotaron funcionalmente los 200 genes más inducidos por cada tratamiento encontrándose información primaria respecto a los procesos biológicos y moleculares involucrados durante la sequía. Finalmente, fue posible correlacionar los perfiles de expresión diferencial de los genes durante la sequía, formándose 31 módulos con aquellos genes altamente correlacionados. Este estudio generó información de gran valor que podrá ser utilizada en futuros estudios para comprender mejor los mecanismos moleculares de tolerancia a sequía en papa y especies cercanas.

Palabras clave: RNA-Seq, expresión génica, estrés hídrico, papa, mRNA.

ABSTRACT

The recent advent of RNA-Seq, a massively parallel sequencing method for transcriptome analysis, provides an opportunity to understand the expression profile of plants in response to biotic and abiotic stress. In this study, the mRNA was sequenced from leaves and roots of two native potato varieties of *Solanum tuberosum* subsp. *andigena* (tolerant and susceptible) at different levels of drought. Fifty-base-pair reads from whole mRNAs were mapped to the potato genomic sequence: 75 - 82% mapped uniquely, 6 - 14% mapped to several locations and 9 - 12% had no match in the genome. Comparing the expression profiles, 887 to 1925 genes were found to be induced/repressed by drought in the sensible variety and 998 to 1995 in the tolerant variety. It was obtained the functional annotation of the 200 genes most induced, which rendered primary information of the biological process and molecular functions involved in drought. Finally, it was possible to correlate the differential expression profile of genes during drought, and 31 modules were formed with those highly correlated genes. This research provides valuable information for future studies and deeper understanding of the molecular mechanism of drought tolerance in potato and related species.

Keywords: RNA-Seq, gene expression, drought stress, potato, mRNA.